



هوش مصنوعی ژن‌های عامل پارکینسون را شناسایی می‌کند

تحلیل‌های ژنتیکی هوش مصنوعی، عوامل ژنتیکی مؤثر در بیماری پارکینسون و داروهای قابل استفاده مجدد را برای درمان بیماری پارکینسون شناسایی می‌کنند.

تحلیل‌های ژنتیکی هوش مصنوعی، عوامل ژنتیکی مؤثر در بیماری پارکینسون و داروهای قابل استفاده مجدد را برای درمان بیماری پارکینسون شناسایی می‌کنند.

به گزارش ایسنا، پژوهشگران «مرکز ژنوم کلینیک کیولند» (CCGC) با موفقیت از مدل‌های ژنتیکی پیشرفته هوش مصنوعی برای تشخیص بیماری پارکینسون استفاده کردند. آنها عوامل ژنتیکی مؤثر در پیشروی بیماری و داروهای مورد تایید «سازمان غذا و داروی آمریکا» (FDA) را شناسایی کردند که شاید بتوان از آنها برای درمان پارکینسون استفاده کرد.

به نقل از وب سایت رسمی مرکز ژنوم کلینیک کیولند، پژوهشگران در این پروژه از رویکردی «زیست شناسی سیستم‌ها» استفاده کردند که از هوش مصنوعی برای ادغام و تحلیل اطلاعات گوناگون به دست آمده از مجموعه داده‌های ژنتیکی، پروتئومی و دارویی بیماران بهره می‌برد تا به شناسایی الگوهایی بپردازد که ممکن است با تحلیل یکی از داده‌ها قابل شناسایی نباشند. دکتر «فیکسیونگ چنگ» (Feixiong Cheng)، مدیر مرکز ژنوم کلینیک کیولند و سرپرست این پژوهش، یک متخصص برجسته در زمینه زیست شناسی سیستم‌هاست و چارچوب‌های هوش مصنوعی متعددی را برای شناسایی درمان‌های جدید بیماری آلزایمر ایجاد کرده است.

دکتر «لیجون دو» (Lijun Dou)، پژوهشگر ارشد این پروژه گفت: بیماری پارکینسون دومین اختلال عصبی شایع پس از زوال عقل است، اما ما راهی را برای متوقف ساختن یا کند کردن پیشروی آن نداریم. میلیون‌ها نفر در سراسر جهان با این بیماری زندگی می‌کنند. بهترین کاری که در حال حاضر می‌توانیم انجام دهیم، مدیریت علائم به همان شکلی است که ظاهر می‌شوند. نیاز مبرم به ایجاد درمان‌های جدید برای بیماری پارکینسون وجود دارد.

دکتر دو خاطرنشان کرد که ساخت ترکیباتی برای متوقف یا معکوس کردن پیشروی بیماری پارکینسون چالش برانگیز است، زیرا هنوز مشخص نشده که کدام یک از ژن‌های ما در صورت جهش به ایجاد علائم بیماری پارکینسون منجر می‌شوند. وی افزود: بسیاری از جهش‌های ژنتیکی شناخته شده مرتبط با بیماری پارکینسون در نواحی غیر رمزگذار DNA ما هستند، نه در ژن‌های واقعی. ما می‌دانیم که جهش‌های موجود در مناطق غیر رمزگذار به نوبه خود می‌توانند بر عملکرد ژن‌های گوناگون تأثیر بگذارند، اما نمی‌دانیم که کدام یک از آنها بر بیماری پارکینسون تأثیر دارد.

پژوهشگران با استفاده از مدل هوش مصنوعی خود توانستند انواع ژنتیکی مرتبط با بیماری پارکینسون را به چندین DNA اختصاصی به دست آمده از مغز و پایگاه‌های داده بیان ژنتیکی ارتباط دهند. این کار به آنها امکان داد تا بدانند که کدام ژن خاص در مغز ما تحت تأثیر انواع نواحی غیر رمزگذار DNA قرار می‌گیرد. سپس پژوهشگران، یافته‌ها را با مجموعه داده‌های پروتئین و اینتراکتوم ترکیب کردند تا مشخص کنند که کدام یک از ژن‌های شناسایی شده هنگام جهش یافتن بر پروتئین‌های دیگر موجود در مغز ما تأثیر می‌گذارند. آنها چندین ژن بالقوه خطرناک مانند SNCA و LRRK2 را پیدا کردند که بسیاری از آنها در صورت عدم تنظیم، به ایجاد التهاب در مغز ما منجر می‌شوند.

پرسش بعدی پژوهشگران این بود که آیا داروهای موجود در بازار را می‌توان برای هدف قرار دادن ژن‌های شناسایی شده تغییر کاربری داد یا خیر. حتی پس از کشف و ساخت داروهای موفق، به طور میانگین ۱۵ سال آزمایش ایمنی دقیق لازم است تا دارو تایید شود.

دکتر چنگ گفت: افرادی که در حال حاضر با بیماری پارکینسون زندگی می‌کنند، نمی‌توانند این مدت برای گزینه‌های جدید منتظر بمانند، زیرا بیماری آنها در حال پیشروی است. اگر بتوانیم از داروهایی استفاده کنیم که در حال حاضر توسط سازمان غذا و دارو تایید شده‌اند و آنها را برای بیماری پارکینسون به کار ببریم، می‌توانیم زمان مورد نیاز را برای ارائه گزینه‌های درمانی بیشتر به میزان قابل توجهی کاهش دهیم.

این پژوهش در مجله «npj Parkinson's Disease» به چاپ رسید.